

## Bioinformática como recurso educativo para enseñar variabilidad genética mediante la comparación de mapas de restricción

Bioinformatics as an educational resource for teaching genetic variability by comparing restriction maps

Silvia Gómez Daza.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Docente Departamento de Biología, Universidad Pedagógica Nacional.

Recibido: Febrero 15 de 2021

Aceptado: Mayo 25 de 2021

\*Correspondencia del autor: Silvia Gómez Daza.

E-mail: srgomezd@pedagogica.edu.co

<https://doi.org/10.47499/revistaaccb.v1i33.231>

### Resumen

Uno de los rasgos de la sociedad del siglo XXI es la incorporación de las TIC en la educación, las cuales pueden contribuir en los procesos de enseñanza-aprendizaje. Sin embargo, el maestro es quien le dá el sentido pedagógico a estos recursos educativos. En ese sentido, las herramientas de la bioinformática pueden contribuir en la enseñanza de temas complejos y abstractos con ejemplos concretos y sin necesidad de realizar prácticas de laboratorio que representen elevados costos económicos.

Considerando lo anterior, en esta investigación se presenta el diseño de la guía “Análisis de la variabilidad genética en especies de *Pseudomonas* mediante comparación de los mapas de restricción del gen ptsN”, que utilizó dos sitios web gratuitos y que muestra paso a paso la manera de realizarla. La guía se aplicó a 30 estudiantes de la asignatura “biología molecular” del período 2018-1 de la licenciatura en biología de la UPN. Para la recolección de la información que permitió evaluar el aprendizaje y conocer la percepción de los estudiantes respecto de la pertinencia y viabilidad del recurso educativo se emplearon un cuestionario y una encuesta estructurada.

Después de trabajar con la guía, los estudiantes mostraron un progreso significativo en sus bagajes cognitivo, conceptual y procedimental, hecho que se evidencia en las respuestas obtenidas mediante los instrumentos diseñados. Tras la experiencia, los estudiantes consideraron que la guía era apropiada y viable para enseñar variabilidad genética. Adicionalmente, se hizo evidente que sí es posible diseñar actividades contextualizadas a bajo costo.

**Palabras clave:** diversidad genética, bioinformática, método de enseñanza, estrategia pedagógica, conceptos, genoma. (*Tesaurus de la UNESCO*)

## Abstract

One of the features of the 21st century society is the incorporation of ICT in education, which can contribute to the teaching-learning processes. However, it is the teacher who gives the pedagogical meaning to these educational resources. In this sense, bioinformatics tools can contribute to the teaching of complex and abstract topics with concrete examples and without the need for laboratory practices that represent high economic costs.

Considering the above, this research presents the design of the guide “Analysis of genetic variability in *Pseudomonas* species by comparison of restriction maps of the *ptsN* gene”, which used two free websites and shows step by step how to perform it. The guide was applied to 30 students of the subject “molecular biology” of the period 2018-1 of the bachelor’s degree in biology at UPN. A questionnaire and a structured survey were used to collect information to evaluate learning and to know the students’ perception of the relevance and feasibility of the educational resource.

After working with the guide, students showed significant progress in their cognitive, conceptual and procedural baggage, as evidenced by the answers obtained through the designed instruments. After the experience, the students considered that the guide was appropriate and viable for teaching genetic variability. Additionally, it became evident that it is possible to design contextualized activities at low cost.

**Keywords:** genetic diversity, bioinformatics, teaching method, pedagogical strategy, concepts, genome. (*UNESCO Thesaurus*)

## INTRODUCCIÓN:

Muchas veces en biología molecular se enseñan temas abstractos que resultan epistemológica y cognitivamente complejos, hecho que dificulta su aprendizaje (1). Una manera de facilitar su enseñanza es la realización de prácticas de laboratorio, sin embargo, la falta de recursos o los elevados costos asociados a la ejecución de este tipo de experiencias impiden su aplicación.

El uso de las tecnologías de la información y la comunicación (TIC) se ha convertido en un soporte para la generación de nuevas formas de enseñanza, así como en una poderosa herramienta didáctica que permite el acceso a una gran cantidad de información y abre nuevos canales de comunicación que rompen barreras de naturaleza espacio-temporal (2, 3). Los recursos TIC contribuyen a los procesos didácticos puesto que permiten la búsqueda de información relevante, fomentan la creación de redes de trabajo colaborativo y facilitan la construcción de conocimientos, procedimientos y actitudes que potencian el desarrollo integral de los estudiantes (4).

En ese sentido, se han desarrollado numerosas propuestas que utilizan la bioinformática para la enseñanza de

diversos temas de las ciencias biológicas, en los cuales los estudiantes se involucran activamente a través de ejercicios prácticos (5,6,7,8).

La bioinformática, según González (9), “*es el desarrollo de métodos computacionales para estudiar la estructura, la función y la evolución de genes, proteínas y genomas completos*” (p 376); es un campo interdisciplinar en el que se integran las ciencias de la computación, las tecnologías de la información, los métodos estadísticos y las ciencias biológicas. Su condición la hace un recurso educativo valioso para profundizar en estas áreas de la biología y acercar al alumnado a conceptos y procesos que, por ser abstractos, suelen resultar complejos de aprender (4), pero sin la necesidad de prácticas de laboratorio. Además, se puede utilizar en el proceso de enseñanza-aprendizaje por ser visualmente atractiva y por su capacidad para mostrar procesos de forma integrada y ejemplificada.

En ese orden de ideas, muchos autores sugieren que en cualquier nivel educativo existe la necesidad de que los estudiantes aprendan a manejar herramientas de bioinformática no solo para que logren manipular y analizar grandes cúmulos de datos biológicos sino para que pro-

fundicen en el conocimiento de conceptos y procesos que suelen ser complejos y que van a necesitar en su vida profesional (3, 7, 10, 11) puesto que la bioinformática es aplicable en ámbitos como la salud, la industria agropecuaria, el ambiente o la biotecnología.

Cabe señalar que a través de proyectos o prácticas guiadas en el aula se puede profundizar en los temas e integrar asignaturas (6, 12, 13) puesto que estas actividades generan interés y motivación en los estudiantes, no sólo por el uso de herramientas novedosas, sino por el hecho de aprender experimentando e interactuando con un entorno diferente, en lugar de recibir la información de forma pasiva (2). Además, según Vargas et al. (14), a través de estas prácticas los estudiantes “*pueden comprender conceptos y establecer procedimientos relacionados con habilidades científicas, tales como el razonamiento, el pensamiento crítico, el cuestionamiento del sujeto sobre lo observado en su realidad inmediata, la imaginación y, por ende, la creatividad*” (p. 49). En consecuencia, una acción pedagógica intencionada y significativa puede impactar de manera profunda en el aprendizaje de los estudiantes.

Tomando en consideración la importancia de la bioinformática en la enseñanza-aprendizaje de los conceptos propios de la biología molecular, esta investigación se adelantó con el propósito de diseñar e implementar una guía en la que se emplearan herramientas de bioinformática para mejorar la enseñanza de la variabilidad genética en bacterias y de introducir a los estudiantes en el uso de bases de datos moleculares, todo ello de manera económica y sin necesidad de implementar prácticas de laboratorio reales.

## MATERIALES Y MÉTODOS

La presente investigación utilizó el enfoque cualitativo puesto que este se ocupa de estudiar la realidad en su contexto natural mediante la interpretación de fenómenos y de acuerdo con las personas implicadas (15).

El trabajo se desarrolló en tres etapas: en la primera se diseñó la guía (que contiene introducción, objetivos, materiales, procedimiento, cuestionario con actividades y referencias bibliográficas); esta implica el uso de dos sitios web gratuitos. El primero (<https://bit.ly/3cQB5Lw>) permite el acceso a las secuencias de nucleótidos del gen seleccionado y el segundo (<https://nc2.neb.com/NEBcutter2/>) permite hacer los cortes con las enzimas de restricción que existen en el mercado. En la segunda se aplicó la guía a 30 estudiantes

de la asignatura biología molecular (ofertada para los semestres 9º o 10º) del período 2018-1 de la licenciatura en biología de la Universidad Pedagógica Nacional (UPN). Es importante mencionar que la guía de bioinformática fue implementada después de hacer en clase la explicación de los conceptos relativos a variabilidad genética y enzimas de restricción con la finalidad de profundizar en ellos de manera contextualizada. En la tercera se evaluaron las respuestas del cuestionario y la encuesta estructurada aplicados después de la inmersión de los estudiantes en el recurso educativo diseñado.

El análisis de los resultados consistió en evaluar las respuestas al cuestionario realizado de manera grupal (3 estudiantes por grupo); para la encuesta se emplearon preguntas que permitieran conocer la percepción de los estudiantes a nivel cualitativo de aspectos conceptuales, procedimentales, funcionales, didácticos, pedagógicos y cuantitativos con una escala de 1 a 5, siendo 5 muy alto, 4 alto, 3 medio, 2 bajo y 1 muy bajo.

## RESULTADOS

En la primera etapa se diseñó la guía “Análisis de la variabilidad genética en especies de *Pseudomonas* mediante comparación de los mapas de restricción del gen ptsN”, que se encuentra en el enlace: <https://drive.google.com/drive/>

Como se observa en el enlace, la guía contiene una introducción que presenta conceptos como variabilidad genética, mutación, tipos de mutación, enzimas de restricción, su historia y sus aplicaciones; adicionalmente hay figuras que permiten ilustrar estos conceptos. De otro lado, presenta los objetivos a alcanzar, los materiales requeridos y el procedimiento paso a paso para realizar la actividad.

Este último segmento presenta dos partes: la primera se titula: “Caracterización molecular del gen beta-glucosidasa 1 (bgl1) de *Penicillium sp.* mediante cortes con enzimas de restricción”. Con ella se pretende que los estudiantes aprendan a utilizar la base de datos *Nucleotide* (NCBI) para encontrar la secuencia del gen “beta-glu-cosidasa” en diferentes especies del hongo *Penicillium*. Dichas secuencias son utilizadas posteriormente para hacer los cortes con enzimas de restricción empleando el programa NEBcutter2. La segunda parte se denomina: “Comparación de los mapas de restricción del gen ptsN en especies de *Pseudomonas*”. Con ella se pretende que los estudiantes aprendan a cortar las secuencias

del gen seleccionado con enzimas de restricción para posteriormente hacer la comparación de los mapas de restricción.

Para evaluar lo aprendido se incluyó un cuestionario con actividades como: elaboración de mapas conceptuales sobre enzimas de restricción y variabilidad genética, evidencias de los diferentes mapas de restricción (con 1, 2 o 3 cortes) correspondientes a un gen de *Penicillium*, análisis y conclusiones de la comparación de los mapas de restricción de las diferentes especies con respecto al gen ptsN y construcción de párrafos para mostrar la relación entre variabilidad genética, mutación y enzimas de restricción. Finalmente se presentan las referencias bibliográficas.

Para la segunda etapa, los 30 estudiantes (organizados en grupos de 3 personas) realizaron la actividad de bioinformática. La población estuvo constituida por un 40% de hombres y un 60% de mujeres, con edades entre 21-26 años, puesto que cursaban 9º o 10º semestre de la licenciatura.

Con respecto a la tercera etapa, después de hacer la inmersión en el recurso educativo y responder el cuestionario con actividades incluido en la guía, se evidenció que los estudiantes pudieron construir una mejor comprensión de los conceptos variabilidad genética y enzimas de restricción al tener que hacer la búsqueda de información en la base de datos del NCBI, formularse cuestionamientos sobre lo observado en su realidad inmediata (laboratorio virtual), interpretar los resultados, razonar y sintetizar la información producida.

A continuación, se presentan algunos apartes de las respuestas de 2 grupos sobre las actividades del cuestionario. Estas permitieron evidenciar el progreso de los estudiantes en su bagaje cognitivo, conceptual y procedimental relativo a los temas estudiados.

Actividad 2: presente en un cuadro la comparación de las gráficas o las tablas obtenidas del análisis de las 3 secuencias seleccionados de la siguiente manera:

a) El nombre de cuatro enzimas de restricción que cortan solo una o dos de las tres secuencias elegidas. No olvide indicar la posición de corte (en las tablas 1 y 2 se presentan las respuestas de los grupos 1 y 2 correspondientes a esta actividad).

**Tabla 1:** respuesta del grupo 1 frente a la actividad “nombre de cuatro enzimas de restricción que cortan solo una o dos de las tres secuencias elegidas”.

1	Nombre de la enzima de restricción.	Posición de corte	Secuencia de corte.	# de corte
<i>Pseudomonas citronellolis</i>	<i>BanII</i>	169/165	5'...G R G C Y C...3' 3'...C Y C G R G...5'	1 corte
<i>Pseudomonas fluorescens</i>	<i>BanII</i>			No corta
<i>Pseudomonas fulva</i>	<i>BanII</i>			No corta
2	Nombre de la enzima de restricción.	Posición de corte	Secuencia de corte	# de corte
<i>Pseudomonas citronellolis</i>	<i>BanI</i>	225/229, 315/319	5'...G G Y R C C...3' 3'...C C R Y G G...5'	2 cortes
<i>Pseudomonas fluorescens</i>	<i>BanI</i>	283/287 315/319	5'...G G Y R C C...3' 3'...C C R Y G G...5'	2 cortes
<i>Pseudomonas fulva</i>	<i>BanI</i>			No corta

3	Nombre de la enzima de restricción.	Posición de corte	Secuencia de corte	# de corte
	<i>Pseudomonas citronellolis</i>			No corta
	<i>Pseudomonas fluorescens</i>	317 430	5'...GTAC...3' 3'...CATG...5'	2 cortes
	<i>Pseudomonas fulva</i>	225 317	5'...GTAC...3' 3'...CATG...5'	2 cortes
4	Nombre de la enzima de restricción.	Posición de corte	Secuencia de corte	# de corte
	<i>Pseudomonas citronellolis</i>			No corta
	<i>Pseudomonas fluorescens</i>	197/201 324/378	5'...GCATC(N)5 ...3' 3'...CGTAG(N)9 ...5'	2 cortes
	<i>Pseudomonas fulva</i>	197/207 348/352	5'...GCATC(N)5 ...3' 3'...CGTAG(N)9 ...5'	2 cortes

**Tabla 2:** respuesta del grupo 2 frente a la actividad “nombre de cuatro enzimas de restricción que cortan solo una o dos de las tres secuencias elegidas”.

Enzima	La enzima que realiza corte único (si/no)			Secuencia de corte	Posición del corte
	<i>P. citronellolis</i>	<i>P. fluorescens</i>	<i>P. fulva</i>		
AatII	No	Si	No	G ACGT C	134/130
BseYI	Si	No	No	C CCAG C	162/166
EagI	No	No	Si	C GGCC G	30/34
HpyCH4IV	Si	No	No	A CG T	131/133

Actividad 3: Después de hacer el ejercicio de comparación (actividad 2) ¿a qué conclusiones puede llegar?

Respuesta del grupo 1:

“Las enzimas de restricción son una herramienta molecular que permite evidenciar variabilidad entre especies del mismo género. Cuando se empleó una misma enzima de restricción con las tres especies, se presentaron varios casos: a) ella no encuentra el sitio de reconocimiento por ende no puede cortar probablemente hubo una mutación puntual (sustitución de una base nitrogenada por otra) y b) reconoce la secuencia, pero ella se encuentra en otra posición probablemente allí hubo una mutación por desplazamiento (inserciones o deleciones).

Las mutaciones que se presentan en un gen no necesariamente alteran su función (mutación

silenciosa) porque en las tres especies ella sigue teniendo la misma función que es intervenir en el metabolismo del nitrógeno.

A pesar de que es el mismo gen *ptsN*, como son especies diferentes, pueden existir cambios en las secuencias del ADN, mostrando variabilidad genética, probablemente con el tiempo se presentaron mutaciones que hacen que las secuencias sean diferentes, pero tienen la misma función”.

Respuesta del grupo 2:

“Las enzimas de restricción son herramientas moleculares que permiten realizar mapas de restricción con diferentes secuencias de ADN y generar comparaciones observando de manera práctica la variabilidad genética existente entre individuos, en este caso diferentes especies de *Pseudomonas*, utilizando el mismo gen.

*Las enzimas de restricción son específicas. Reconocen y cortan en lugares determinados (secuencias palindrómicas), por ejemplo, la enzima BanI reconoce la secuencia de nucleótidos G GCGC C.*

*Las enzimas de restricción pueden reconocer y generar más de un corte y depende de la presencia de la secuencia de reconocimiento en el ADN. Estos ejercicios permiten desarrollar destrezas en el manejo de bases de datos de internet, además de comprender temáticas y aplicar conceptos que han sido vistos en las diferentes clases y de esta manera, es posible consolidar nuevas formas de enseñanza que son de gran ayuda para el desarrollo del ejercicio profesional de los licenciados en Biología”.*

Actividad 4: en dos párrafos presente la relación entre variabilidad genética, mutación y cortes con enzimas de restricción.

Respuesta del grupo 1:

*“Las mutaciones son cambios de las secuencias del ADN, ellas son heredables si ocurren en las células germinales y pueden ser a nivel cromosómico (cambiando el número o estructura del cromosoma) o génico (alterando solo el gen). Junto con la reproducción sexual, las mutaciones son las principales fuentes de variabilidad genética favoreciendo la diversidad de las especies.*

*Las enzimas de restricción son proteínas provenientes de las bacterias y son empleadas en biología molecular con varios propósitos entre los cuales encontramos: obtención de fragmentos de ADN, algunas técnicas de hibridación (Southern blot ) y marcadores moleculares (AFLP, RFLP),*

*huella genómica, confirmación de clones recombinantes y el análisis de variabilidad genética entre especies del mismo género mediante comparación de mapas de restricción como en el ejercicio de este taller de bioinformática”.*

Respuesta del grupo 2

*“La variabilidad genética se define como la diversidad en las frecuencias de los genes producida ya sea por mutaciones o factores como la reproducción y la deriva genética que permiten diferenciar a un individuo o una población ya que los individuos de una misma especie no son idénticos. Teniendo en cuenta lo anterior, los cambios a nivel genético que se dan en los individuos están influenciados por mutaciones.*

*Con las enzimas de restricción a nivel de laboratorio se puede evidenciar la variabilidad genética entre individuos al realizar comparación de mapas de restricción”.*

Los trabajos prácticos son significativos para los estudiantes, pues como lo expresaba Confucio: “Me lo contaron y lo olvidé, lo vi y lo entendí, lo hice y lo aprendí”. En consecuencia, las prácticas para los procesos de enseñanza-aprendizaje en biología son una estrategia educativa útil que permite contrastar la teoría, construir conocimiento y desarrollar habilidades científicas en los estudiantes.

Los resultados de la percepción de los estudiantes de biología molecular que se encontraban cursando 9° o 10° semestre de la licenciatura en biología con respecto a la guía diseñada y que fue ejecutada por ellos se presentan en la figura 1 y la tabla 3. Allí se obtuvieron puntuaciones sobre 4.7 (en una escala de 1 a 5) en las 10 preguntas, lo que indicó que la herramienta didáctica es pertinente y viable para la enseñanza de estos temas.

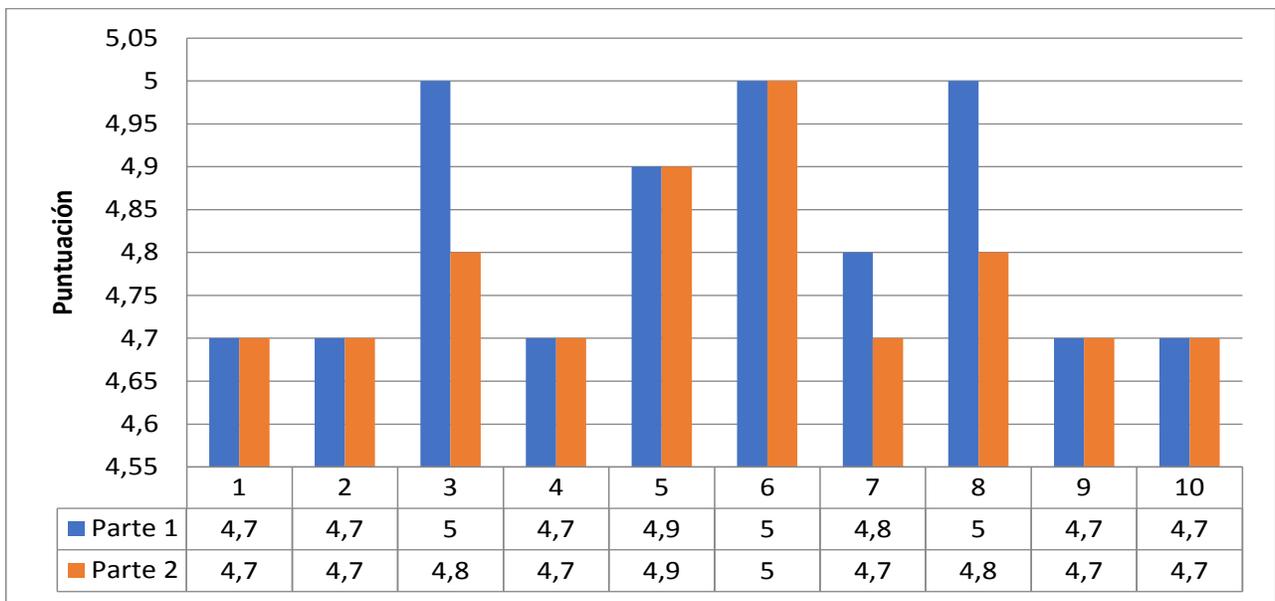


Figura 1: Resultados del promedio de cada pregunta de las dos partes de la guía.

Tabla 3. Algunos comentarios de los estudiantes sobre la guía en la encuesta estructurada.

Pregunta	Algunos comentarios de los estudiantes	Primera parte
		Segunda parte
1 ¿El contenido es completo y claro?	- “El contenido es completo, claro y pertinente”. - “Hay una metodología clara y específica”. - “El contenido paso a paso del taller permite la comprensión del uso de la plataforma”. - “Sí, me gustó mucho”.	
2 ¿Hay diferencias entre lo que se encuentra en los libros y lo que se encuentra en la guía?	- “En los textos hay información incompleta y difícil de entender, la guía es más completa”. - “Se sintetiza información para ser fácil de entender”. - “La guía fue significativa pues en los textos hay información, pero no la trabajan de igual forma, la guía es más clara”. - “Acá es mas fácil de entender”.	
3 ¿Se alcanzaron a cumplir los objetivos propuestos?	- “Sí, los objetivos se cumplen debido a la interacción que posibilita la base de datos, así mismo permite comprender este tema que es muy abstracto”. - “Se cumplieron los objetivos, aprendí”. - “Sí, los objetivos se cumplen. Pude comprender mejor el tema”. - “El uso de las bases de datos permite desarrollar destrezas y retroalimentar el tema visto en clase”.	
4 ¿La práctica de laboratorio virtual fue una buena manera de alcanzar dichos objetivos?	- “Se puede contrastar la parte teórica con la práctica”. - “Sí, ya que magnifica las habilidades de los estudiantes”. - “Me permitió comprender mejor la teoría”. - “Sí me permitió alcanzar los objetivos de una manera más didáctica”.	
5 ¿Las actividades de aprendizaje y los contenidos proporcionados concuerdan con los objetivos?	- “Están acordes a los contenidos y las actividades de aprendizaje”. - “Es coherente con los objetivos y facilita el aprendizaje”. - “Las bases de datos proporcionadas permiten abordar el tema y las actividades permiten aprender”. - “Es coherente con los objetivos y facilita el aprendizaje”.	

6 ¿La práctica mejora el proceso de aprendizaje de los temas?	<p>- “Sí, pone en práctica lo plasmado por el maestro”.</p> <p>- “Se complementa con lo visto en clase”.</p> <p>- “Sí, el ejercicio posibilita la comprensión de una manera más llamativa y motivadora”.</p> <p>- “Pude complementar lo visto en clase”.</p>
7 ¿Con la práctica se motivó el aprendizaje?	<p>- “El tema fue interesante”.</p> <p>- “La práctica hace que se aprenda de manera dinámica”.</p> <p>- “Me gustó, es una forma diferente de comprender”.</p> <p>- “Sí porque son temas claves en biología”.</p>
8 ¿La estructura y el diseño de la práctica concuerdan con las temáticas?	<p>- “Se evidencia el diseño pertinente de la práctica”.</p> <p>- “El diseño y la estructura corroboran lo aprendido en clase”.</p> <p>- “Es pertinente el diseño”.</p> <p>- “La guía permite corroborar lo hablado en clase”.</p>
9 ¿El laboratorio virtual es fácil de realizar?	<p>- “Es bien ordenado y muy bien estructurado”.</p> <p>- “Sí, tiene todas las pautas claras”.</p> <p>- “La organización de la guía permite la comprensión del paso a paso para hacer el ejercicio”.</p> <p>“Sí, ya que se muestra el paso a paso”.</p>
10 ¿La estrategia de aprendizaje propuesta es clara?	<p>- “La estrategia incentiva el uso de herramientas tecnológicas y están de acuerdo con las temáticas tratadas en clase”.</p> <p>- “Lo propuesto en la guía es posible realizarlo”.</p> <p>“La formulación del manejo de las bases de datos es clara, y complementa lo visto en clase”.</p> <p>- “La guía permite complementar de manera diferente lo visto en clase”.</p>

## DISCUSIÓN

Las tecnologías de la información y la comunicación (TIC) ofrecen grandes posibilidades de apoyo a los procesos de enseñanza-aprendizaje puesto que favorecen la motivación, el interés, la imaginación, los métodos de comunicación, mejoran la capacidad para resolver problemas y permiten mayor autonomía de aprendizaje (16); de hecho, en el contexto escolar existen diversas tendencias de uso en función de la postura del maestro (17). Los laboratorios virtuales son un tipo de TIC que brinda una excelente oportunidad para enseñar y simular a bajo costo situaciones que no solamente se presentan en las ciencias sino también en un gran número de actividades profesionales y empresariales de la vida moderna (18, 19).

En este estudio, en el que se emplearon herramientas de bioinformática con 30 estudiantes (grupos de 3 personas) se hizo evidente, tanto en las respuestas logradas con el cuestionario de la guía como en las observadas en encuesta sobre la misma, que la práctica virtual permitió ampliar los conocimientos sobre variabilidad genética y enzimas de restricción de una manera motivante y diferente, puesto que ellos pudieron buscar información en la base de datos del NCBI, observar, interpretar datos, comprender, argumentar, analizar y sintetizar información mediante el desarrollo del ejercicio en el que

se emplearon dos sitios web gratuitos (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov> y <http://nc2.neb.com/NEBcutter2/index.php>). Como lo afirman Vargas et al. (14):

*“ el trabajo práctico puede llegar a ser un proceso eficaz, que posibilite tanto la construcción del conocimiento, dado que implica relacionar diferentes conceptos y definiciones, que puedan conllevar a una mejor comprensión de lo que se esté trabajando, como una oportunidad para desarrollar todo tipo de habilidades, como el hecho de tener que llevar a la práctica los saberes y conocimientos adquiridos en diferentes espacios, lo que potencializa la capacidad de comprender, interpretar y argumentar una práctica”* (p. 48).

Este hecho se puso de manifiesto en las respuestas a las preguntas de la guía desarrolladas por los estudiantes.

La bioinformática es empleada como recurso educativo para la enseñanza de las ciencias de la vida (3, 8) y se presenta a través de prácticas guiadas o proyectos relacionados con: a) ingeniería genética, para que el alumno adquiera no solo nociones básicas sobre el uso y manejo de diferentes programas que le servirán en su vida profesional sino para afianzar y contextualizar conceptos propios de este campo del conocimiento (10), b) estudios de caso sobre alteraciones genéticas, para in-

troducir a los alumnos en el uso de las bases de datos moleculares a partir de una búsqueda guiada y como soporte para afianzar y relacionar diferentes conceptos relativos a la genética molecular (12), c) trabajos sobre genomas bacterianos, para involucrar activamente a los estudiantes en investigaciones significativas con altos beneficios de aprendizaje (7) y d) la formación integrada de la biología molecular y la bioinformática centrada en la genómica y la transcriptómica (13). En consecuencia, de esta manera y con ejemplos concretos se pueden enseñar conceptos relativamente complejos.

Al respecto conviene decir que cuando se trabaja con herramientas de bioinformática se utiliza su potencial en el proceso de enseñanza-aprendizaje, convirtiéndolas en recursos educativos altamente atractivos tanto por su novedad como por su capacidad para mostrar procesos de forma integrada y visualmente llamativa (8,13). Adicionalmente ellas permiten ejemplificar, investigar y comprobar muchos de los conceptos claves presentes en las diferentes partes del currículum de secundaria y de la universidad (7, 10). En concordancia, al introducir a los estudiantes en la utilización de herramientas TIC como las bases de datos moleculares y los simuladores que imitan una auténtica investigación científica, se les permite afianzar y relacionar conceptos propios de la biología (12).

Es mucho lo que se debe avanzar en esta materia, pues existen grandes desafíos: es necesario desarrollar competencias en una serie de habilidades científicas como

el análisis cuantitativo, la resolución de problemas y el manejo de grandes cantidades de datos. Por todo lo anterior, como maestros, debemos trabajar en estas limitaciones y desarrollar más recursos educativos para nuestras clases de ciencias.

De este trabajo se derivan las siguientes conclusiones: se pone de manifiesto que se pueden diseñar actividades contextualizadas a bajo costo mediante el uso de plataformas gratuitas que contribuyan al aprendizaje de los estudiantes. La guía de bioinformática permitió que los estudiantes ampliaran su conocimiento sobre variabilidad genética y enzimas de restricción de manera contextualizada, motivante y diferente, hecho que se hizo evidente en sus respuestas al cuestionario y la encuesta. Además, a partir de una búsqueda guiada, aprendieron a utilizar una base de datos moleculares y un simulador de procesos enzimáticos. Las percepciones de los estudiantes que ejecutaron la guía coinciden en que esta es pertinente y viable como recurso educativo para la enseñanza de estos temas.

**AGRADECIMIENTOS:** a los 30 estudiantes de la asignatura biología molecular del período 2018-1 de la licenciatura en biología de la Universidad Pedagógica Nacional con los cuales se hizo la presente investigación.

**CONFLICTO DE INTERESES Y FINANCIACIÓN:** no existen conflictos de interés y la financiación fue proporcionada por la autora correspondiente del proyecto de investigación.

## Referencias

1. Lucumí, A. (2015). Retos en la enseñanza de la biología molecular y la bioquímica en las carreras del área de la salud. *Rev. Bol. Redipe*, 4 (9), 26-39. <https://revista.redipe.org/index.php/1/article/view/338>.
2. López, M & Morcillo, J. (2007). Las TIC en la enseñanza de la Biología en la educación secundaria: los laboratorios virtuales. *Rev. Elec. En. Ciencias*, 6 (3), 562-576 [http://reec.uvigo.es/volumenes/volumen6/ART5\\_Vol6\\_N3.pdf](http://reec.uvigo.es/volumenes/volumen6/ART5_Vol6_N3.pdf)
3. Mangul, S., Martin, L. S., Langmead, B., Sanchez-Galan, J. E., Toma, I., Hormozdiari, F., Eskin, E. (2019). How bioinformatics and open data can boost basic science in countries and universities with limited resources. *Nat Biotechnol*, 37, 324–326. <https://doi.org/10.1038/s41587-019-0053-y>
4. Cacheiro, M.L. (2011) Recursos educativos TIC de información, colaboración y aprendizaje. *Píxel-Bit. Rev. de Medios y Educación*, 39, 69-81. <https://www.redalyc.org/pdf/368/36818685007.pdf>
5. Jackman, S. D., Mozgacheva, T., Chen, S., O’Huiginn, B., Bailey, L., Birol, I., & Jones, S. (2019). ORCA: a comprehensive bioinformatics container environment for education and research. *Bioinformatics*, 35 (21), 4448–4450. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btz278>
6. Bernal, S. G., Oñate, G. C., Ramírez, A. V., & Sánchez, A. V. (2020). Avistamientos de aves y análisis bioinformático en entornos rurales con estudiantes de la Institución educativa Ferralarada en Choachí (Colombia) *Rev. Asoc. Col. Cienc. (Col)* 32, 171-182. <https://doi.org/10.47499/revistaaccb.v1i32.218>
7. Bennett, J. A. (2020). The CURE for the Typical Bioinformatics Classroom. *Front Microbio*, 11, 1728. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2020.01728>
8. Ryder, E., Morgan, W., Sierk, M., Donovan, S., Robertson, S., Orndorf, H., et. al. (2020). Incubators: Building community networks and developing open educational resources to integrate bioinformatics into life science education. *Biochem Mol Biol Educ*, 48(4), 381-390. <https://iubmb.onlinelibrary.wiley.com/doi/epdf/10.1002/bmb.21387>
9. González, C. J., (2017) Aplicaciones bioinformáticas Origen de la bioinformática. *Pueblo Cont.* 28 (2), 373- 377 <https://bit.ly/3gIvGqX>
10. Olaya Abril, A., & Cejas Molina, M. (2018). Bioinformática como recurso educativo: Proyecto de ingeniería genética. *EDMETIC, Rev. Educación Mediática y TIC*, 7 (1), 174. <https://doi.org/10.21071/edmetic.v7i1.10027>
11. Porter, S. G., & Smith, T. M. (2019). Bioinformatics for the Masses: The Need for Practical Data Science in Undergraduate Biology. *OMICS*, 23 (6), 297-299. <https://doi.org/10.1089/omi.2019.0080>
12. López, M. (2010) Introducción a la bioinformática en la enseñanza secundaria: estudio de una alteración genética. Conferencia: I Congreso de Docentes de Ciencias de la naturaleza. Universidad Complutense de Madrid. <https://www.researchgate.net/publication/316217406>
13. Pucker, B., Schilbert, H. M., & Schumacher, S.F. (2019). Integrating Molecular Biology and Bioinformatics Education. *J Integr Bioinform*, 16 (3), 1-7. <https://doi.org/10.1515/jib-2019-0005>
14. Vargas, C., Moyano, E., Medellín, F., Ojeda G., Jiménez, H., Sierra, L., Cárdenas L., Roa, P. & Gómez, S. (2016). Escenarios de Reflexión En: Medellín, F., Vargas, C. & Ojeda, G. Encuentro de experiencias, Relatos de enseñanza de la biología a través de trabajos prácticos. Ed Universidad Pedagógica Nacional. Pp 48, 49. [https://issuu.com/fondoeditorialupnc/docs/final\\_libro\\_web](https://issuu.com/fondoeditorialupnc/docs/final_libro_web)
15. Martínez, R. J. (2011) Métodos de investigación cualitativa. *Rev. Silogismo*, 4 (8), 27-38. <http://saber.cide.edu.co/ojs3.2/index.php/silogismo/article/view/111>
16. Carneiro, R., Toscano, J., Díaz, T. (2008) Los desafíos de las TIC para el Cambio educativo. Madrid: OEI. Pp. 183. <https://www.oei.es/uploads/files/microsites/28/140/lastic2.pdf>
17. Rincón, F. N. (2015) Tendencias sobre el uso de las TIC en la enseñanza de las ciencias a la luz de las revistas: computers and education y enseñanza de las ciencias (Tesis de maestría) Bogotá- Colombia: Universidad José de Caldas. En: <https://bit.ly/3gEk8Xd>
18. Gil, S. (2014) Experimentos de Física de bajo costo, usando TIC’s. Buenos Aires. Alfaomega. Pp. 336. <https://bit.ly/3gIeMxs>
19. Calderón, S.E., Núñez, P., DI Laccio, J.L., Lanneilli, L.M., & Gil, S. (2015) Aulas- laboratorio de bajo costo, usando TIC. *Rev. Eureka Enseñ Ciencias*. 12 (1), 212-226. <https://revistas.uca.es/index.php/eureka/article/view/2912/2608>